

Sylabus przedmiotu na studiach doktoranckich

Nazwa przedmiotu	Bioinformatyka
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot	Wydział Chemii
Język przedmiotu	Polski (dla doktorantów-obcokrajowców konsultacje w języku angielskim)
Efekty kształcenia dla przedmiotu ujęte w kategoriach: wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych	<p>Po zakończeniu zajęć student:</p> <p><u>W zakresie wiedzy</u></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- jest w stanie wymienić zagadnienia wchodzące w zakres bioinformatyki</li><li>- opisać przykłady zagadnień rozwiązywanych technikami in silico</li><li>- zna narzędzia stosowane w bioinformatyce</li><li>- jest w stanie opisać etapy projektowania indywidualnej terapii</li><li>- wymienić przykłady narzędzi dostępnych w sieci</li><li>- klasyfikować dyscypliny matematyczne i numeryczne stosowane do zagadnienia biologiczno-chemicznego</li><li>- zna podstawowe zasady współpracy interdyscyplinarnej</li><li>- wymienić przykładowe procedury stosowane w bioinformatyce</li><li>- zna przykłady wykorzystania technik bioinformatycznych w projektowaniu leków</li><li>- zna podstawowe bazy danych dostępne w sieci</li><li>- jest w stanie opisać rolę chemika we współpracy z bioinformatykiem</li></ul> <p><u>W zakresie umiejętności potrafi</u></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- posługiwać się w sposób efektywny zasobami dostępnymi w internecie</li><li>- krytycznie oceniać zasady współpracy interdyscyplinarnej w dziedzinie bioinformatyki</li><li>- stworzyć własny projekt w zakresie bioinformatyki</li><li>- planować własny udział w projekcie interdyscyplinarnym</li></ul> <p><u>W zakresie kompetencji społecznych (profesjonalizmu)</u></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- potrafi uczyć innych wykorzystania technik bioinformatycznych</li><li>- brać udział w dyskusjach</li><li>- przestrzega praw pacjenta w tym do ochrony danych osobowych (w przypadku projektowania terapii indywidualnej)</li><li>- potrafi wyszukiwać i krytycznie analizować dane z piśmiennictwa (w tym anglojęzycznego)</li><li>- wykazuje umiejętność rozwiązywania problemów</li><li>- potrafi pracować w grupie</li><li>- potrafi dokonywać samooceny w środowisku internetowym i rozpoznać granice własnych kompetencji</li></ul>

Typ przedmiotu (obowiązkowy/fakultatywny)	Fakultatywny
Semestr/rok	Do wyboru przez słuchaczy
Imię i nazwisko osoby/osób prowadzącej/prowadzących przedmiot	Prof. dr hab. Irena Roterman-Konieczna
Imię i nazwisko osoby/osób egzaminującej/egzaminujących bądź udzielającej zaliczenia, w przypadku gdy nie jest to osoba prowadząca dany przedmiot	
Sposób realizacji	Wykład i seminaria
Wymagania wstępne i dodatkowe	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Podstawowa umiejętność obsługi komputera</li> <li>- Podstawowa znajomość w zakresie chemii strukturalnej, kwantowej i krystalochemii</li> </ul>
Liczba punktów ECTS przypisana przedmiotowi	6 ECTS lub 3 ECTS
Bilans punktów ECTS	<p>Udział w zajęciach - 30 godzin</p> <p>Samodzielne opanowanie omówionego materiału i studiowanie zalecanej literatury - 60 godz.</p> <p>Zaplanowanie, przygotowanie i wykonanie samodzielnego projektu 90 godz.</p> <p>Łączny nakład pracy doktoranta: 180 godz., co odpowiada 6 punktom ECTS.</p>
Stosowane metody dydaktyczne	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Wykład</li> <li>• Dyskusja indywidualne</li> <li>• Dyskusja w grupie</li> <li>• Demonstracja</li> <li>• Samodzielne poszukiwanie informacji w sieci Internet</li> </ul>
Metody sprawdzania i oceny efektów kształcenia uzyskanych przez doktorantów	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Udział w dyskusjach oceniany jest na podstawie: terminowości oddania projektu, oryginalności pracy oraz nakładu pracy włożonego w jego przygotowanie.</li> <li>• Udział w dyskusji indywidualnej (doktorant – wykładowca)</li> </ul>
Forma i warunki zaliczenia przedmiotu, w tym zasady dopuszczenia do egzaminu, zaliczenia, a także forma i warunki zaliczenia przedmiotu	Ocena na podstawie aktywności w dyskusji
Treści przedmiotu*	<p>Kolejne tematy:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Wprowadzenie do bioinformatyki</li> <li>2. Projekt sekwencjonowania genomu ludzkiego</li> <li>3. Techniki stosowane w genomice – analiza treści (identyfikacja genów), analiza porównawcza (poszukiwanie przodków ewolucyjnych)</li> <li>4. Baza NCBI</li> <li>5. Analiza porównawcza sekwencji i struktury białek</li> <li>6. Analiza i przewidywanie struktury przestrzennej białek</li> </ol>

	<p>7. Pola siłowe i narzędzia do przewidywania struktury białek</p> <p>8. Analiza stanu obecnego – projekt CASP</p> <p>9. Techniki symulacji dynamiki molekularnej</p> <p>10. Projektowanie leków – parametryzacja</p> <p>11. Technika „free energy perturbation”</p> <p>12. Generowanie leków techniką de novo</p> <p>13. Zasady projektowania terapii indywidualnej (pojęcie SNP)</p> <p>14. Biologia systemów</p> <p>15. Podsumowanie</p>
<p>Wykaz literatury podstawowej i uzupełniającej*</p>	<p>Obowiązkowe:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Materiały dostępne w internecie – strony NCBI, CASP, PDB, PdbSum, PDBe.</li> </ul> <p>Dodatkowe:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Protein folding – Adam Liwo Springer 2012.</li> <li>• Protein folding – Irena Roterman-Konieczna – Woodhead 2012</li> </ul> <p>Identification of ligand binding site – Irena Roterman-Konieczna – Springer 2012</p>

\* W szczególnie uzasadnionych przypadkach można podać informację ogólną.